

**ПРИМЕНЕНИЕ ЭЛЕМЕНТОВ БИОИНФОРМАТИКИ  
ПРИ ИЗУЧЕНИИ БИОХИМИИ БЕЛКОВ И ПЕПТИДОВ  
В МЕДИЦИНСКОМ ВУЗЕ**

**Коваль А.Н., Грицук А.И., Свергун В.Т.**

*УО «Гомельский государственный медицинский университет»,  
Республика Беларусь*

Развитие информационных технологий позволяет оптимизировать ряд педагогических задач при преподавании биохимии в медицинском вузе. Среди многих программ моделирования макромолекул

программа Deep View позволяет ознакомить студентов с азами биоинформационных исследований и лучше усвоить основные принципы строения белков.

Анализ белковой молекулы включает в себя исследования аминокислотного состава, умение выделять отдельные аминокислоты, визуализировать их в разных моделях, а также сравнивать последовательности нескольких белков. Одним из преимуществ данной программы является возможность генерировать изображение пептида с заданной последовательностью аминокислот, записанных в формате FASTA, что может быть использовано для учебных целей при изучении свойств аминокислот.

В связи с этим предлагается факультативный курс «Основы биоинформатики», на котором студенты будут решать ряд практических задач по возрастающей степени сложности: 1) провести анализ первичной структуру белка – его аминокислотный состав; 2) отметить особенности вторичной структуры белка, выражающейся в соотношении  $\alpha$ -спиралей и  $\beta$ -структур; 3) выяснить особенности третичной структуры белковой молекулы – взаиморасположение аминокислот в пространстве с указанием доменов, особенностей межмолекулярных взаимодействий; 4) для мультимерных белковых молекул – особенности четвертичной структуры, взаимодействия между субъединицами; 5) анализировать особенности межмолекулярного взаимодействия для комплексов белок-лиганд, белок-кофактор; 6) провести измерения межмолекулярных расстояний взаимодействующих компонентов; 7) преобразовать аминокислотную последовательность, данную преподавателем в трехмерное изображение, используя функцию «Swiss Model: Load Raw Sequence to Model»; 8) составить отчет о проделанной работе, с включением графики, сгенерированной программой для визуализации молекул.

Если имеется доступ в Интернет, задачи можно расширить. При этом следует уделить внимание выработке у студентов умения самостоятельно проводить поиск информации о строении белков в Интернете в специализированных информационных банках (Protein Data Bank, Genbank при NCBI и др.). Навыки, полученные студентами на занятиях «Основы биоинформатики», будут полезны при изучении таких медицинских дисциплин как патологическая физиология, фармакология, и др.